

3/7/5

DIALOG(R)File 352:Derwent WPI

(c) 2004 Thomson Derwent. All rts. reserv.

009177259

WPI Acc No: 1992-304694/199237

Recombinant human thrombomodulin (I) deriv. - has long half life and is used as pharmaceutical

Patent Assignee: DAIICHI PHARM CO LTD (DAUC)

Number of Countries: 001 Number of Patents: 002

Patent Family:

| Patent No | Kind | Date | Applicat No | Kind | Date | Week |
|------------|------|----------|-------------|------|----------|----------|
| JP 4210700 | A | 19920731 | JP 90409855 | A | 19901212 | 199237 B |
| JP 3220174 | B2 | 20011022 | JP 90409855 | A | 19901212 | 200169 |

Priority Applications (No Type Date): JP 90409855 A 19901212

Patent Details:

| Patent No | Kind | Lan Pg | Main IPC | Filing Notes |
|------------|------|--------|-------------|----------------------------------|
| JP 4210700 | A | 17 | C07K-013/00 | |
| JP 3220174 | B2 | 16 | C07K-014/47 | Previous Publ. patent JP 4210700 |

Abstract (Basic): JP 4210700 A

A recombinant human (I) deriv. in which the serine-glycine-serine-glycine-glutamine part of the 472 to 476th position of human (I) and its peripheral continuous aminoacid sequence is changed by removing, adding or replacing the amino acid and cleaved with chondroitinase ABC and made so that it can not modified by glucosaminoglycan sulphate, a plasmid pRS6M2TM-neo, Ecoli RS7M2TM-neo and a culture cell transformed by the above plasmid.

USE/ADVANTAGE - The recombinant human (I) has a longer half life than the conventional one and is useful as a pharmaceutical

Dwg.0/21

Derwent Class: B04; D16

International Patent Class (Main): C07K-013/00; C07K-014/47

International Patent Class (Additional): A61K-037/02; A61K-038/00;

A61P-007/02; C12N-005/10; C12N-015/09; C12N-015/12; C12N-015/85;

C12P-021/02; C12R-001-91

BEST AVAILABLE COPY

| (51)Int.Cl. ⁸ | 識別記号 | 庁内整理番号 | F I | 技術表示箇所 |
|--------------------------------|-------|---------|----------------|--------|
| C 0 7 K 13/00 | | 7731-4H | | |
| A 6 1 K 37/02 | A C B | 8317-4C | | |
| C 1 2 N 5/10 | | 8717-4B | C 1 2 N 15/ 00 | A |
| | | 7236-4B | 5/ 00 | B |
| 審査請求 未請求 請求項の数7(全 17 頁) 最終頁に続く | | | | |

| | | | |
|----------|--------------------|---------|---|
| (21)出願番号 | 特願平2-409855 | (71)出願人 | 000002831 第一製薬株式会社 東京都中央区日本橋 3 丁目14番10号 |
| (22)出願日 | 平成 2 年(1990)12月12日 | (72)発明者 | 坂野 勝一 東京都江戸川区北葛西一丁目16番13号 第 一製薬中央研究所内 |
| | | (72)発明者 | 藤原 弘之 東京都江戸川区北葛西一丁目16番13号 第 一製薬中央研究所内 |
| | | (72)発明者 | 杉山 則文 東京都江戸川区北葛西一丁目16番13号 第 一製薬中央研究所内 |
| | | (74)代理人 | 弁理士 山田 文雄 (外 1 名) |

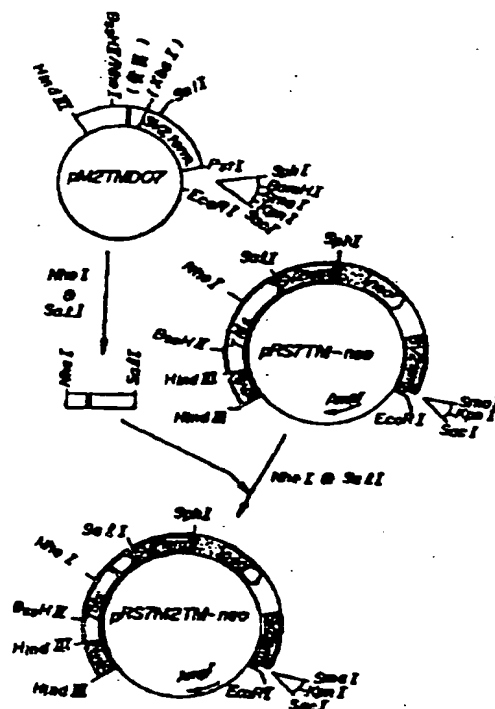
最終頁に続く

(54)【発明の名称】 組換ヒトトロポモジュリン誘導体

(57) 【要約】

【構成】 ヒトトロポモジュリンのアミノ酸472番目から476番目のセリン・グリシン・セリン・グリシン・グルタミン酸周辺のアミノ酸配列が、アミノ酸の除去・付加あるいは置換により変更され、硫酸化グルコサミノグリカンで修飾されなくされた組換ヒトトロポモジュリン誘導体。この組換ヒトトロポモジュリンの発現ベクターpRS7M2TM-neo、及びこのベクターにより形質転換され発現可能な宿主細胞。

【効果】 硫酸化グルコサミノグリカンで修飾されている従来の組織ヒトトロポモジュリンに比べ、血中半減期が長く、医薬品として有用である。



【特許請求の範囲】

【請求項1】 ヒトトロポモジュリンのアミノ酸472番目から476番目のセリン・グリシン・セリン・グリシン・グルタミン酸部分及びその周辺の連続したアミノ酸配列が、アミノ酸を除去・付加或いは置換することにより変更され、コンドロイチナーゼABCで切断される硫酸化グルコサミノグリカンで修飾されなくされた組換ヒトトロポモジュリン誘導体

【請求項2】 ヒトトロポモジュリンを構成する領域の内、アミノ末端領域とEGF様領域およびO-グリコシル化部位領域より成り、且つアミノ酸472番目から476番目のセリン・グリシン・セリン・グリシン・グルタミン酸部分及びその周辺の連続したアミノ酸配列が、アミノ酸を除去・付加或いは置換することにより変更され、コンドロイチナーゼABCで切断される硫酸化グルコサミノグリカンで修飾されなくされた組換ヒトトロポモジュリン誘導体

【請求項3】 ヒトトロポモジュリンを構成する領域の内、細胞膜貫通領域および細胞質内領域を欠失した領域からなり、且つアミノ酸472番目から476番目のセリン・グリシン・セリン・グリシン・グルタミン酸部分及びその周辺の連続したアミノ酸配列が、アミノ酸を除去・付加或いは置換することにより変更され、コンドロイチナーゼABCで切断される硫酸化グルコサミノグリカンで修飾されなくされた組換ヒトトロポモジュリン誘導体

【請求項4】 ヒトトロポモジュリンを構成する領域の内、N末端より1番目のアラニンより491番目のアラニンまでを含み、且つアミノ酸472番目から476番目のセリン・グリシン・セリン・グリシン・グルタミン酸部分及びその周辺の連続したアミノ酸配列が、アミノ酸を除去・付加或いは置換することにより変更され、コンドロイチナーゼABCで切断される硫酸化グルコサミノグリカンで修飾されなくされた組換ヒトトロポモジュリン誘導体

【請求項5】 プラスミドpRS7M2TM-neo

【請求項6】 E.coli RS7M2TM-neo

【請求項7】 プラスミドpRS7M2TM-neoで形質転換された培養細胞

【発明の詳細な説明】

【0001】

【産業上の利用分野】 本発明は、組換ヒトトロポモジュリン誘導体に関するものである。さらに詳しくは、コンドロイチナーゼABCで切断されるグルコサミノグリカンによって修飾されないようにアミノ酸配列を変更することにより血中半減期が延長された組換ヒトトロポモジュリン誘導体、その発現ベクター及びその形質転換細胞に関するものである。

【0002】

【発明の背景】 トロポモジュリンは血管内皮細胞の膜

上に存在する糖蛋白の一つであり、トロニンと結合してトロニンの持つフィブリン凝固活性、第V因子や第VIII因子の活性化あるいは血小板活性化に対して阻害作用を示し、またトロニンによるプロテインCの活性化を促進する(実験医学 6, (14), 1396-1398 (1988); Pro g. Hemost. Thromb., 9, 29-55 (1989))。これらのトロポモジュリンの生理活性はトロポモジュリンが抗凝固薬として有用であることを示している。ヒトトロポモジュリンのcDNAは既に報告され(EMBO J., 6, 1891-1897(1987); Biochemistry, 26, 4350-4357 (1987))。また染色体上の遺伝子のDNAについてもヒトトロポモジュリン遺伝子はイントロンを持っていないことが判明している(Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 84, 6425-6429 (1987); J. Biochem., 103, 281 ~ 285 (1988))。Suzukiら(J. Biol. Chem., 264, 4872-4876 (1989))はこのヒトトロポモジュリンを遺伝子組換により動物培養細胞で生産させているが、その構造に関しては詳細な検討は行われていない。

【0003】 明らかにされたDNA配列によるとヒトトロポモジュリンは557個のアミノ酸から成立っていると推定される。ヒトトロポモジュリンは、機能的には、アミノ末端領域、EGF様構造領域、O-グリコシル化部位領域、細胞膜貫通領域および細胞質内領域の5つの領域に分けられ、その内、EGF様構造領域が、トロニンに作用してそのプロテインC活性化能を促進する領域であることが報告されている(J. Biol. Chem., 264, 4872-4876 (1989))。また、アミノ末端領域、EGF様構造領域およびO-グリコシル化部位領域は細胞膜外に存在する部分であり、これらの部分だけで構成されるヒトトロポモジュリンは細胞膜に結合できず、可溶化された形で存在する(J. Biol. Chem., 264, 4872-4876 (1989); Blood, 75, 1396-1399 (1990))。

【0004】 本発明者らはこれら3つの領域(アミノ末端領域、EGF様構造領域およびO-グリコシル化部位領域)に着目して、これら3つの領域のみから成る組換ヒトトロポモジュリンの生産を試みた。ヒトトロポモジュリン遺伝子を改変し、発現ベクターを作成、さらにこれを動物培養細胞(CHO-K1細胞)に導入した発現細胞株を培養したところ、その培養液中に硫酸化グルコサミノグリカンを持った組換ヒトトロポモジュリンを見出すことができた(特願平1-269194、国際出願PCT/JP90/01342)。この硫酸化グルコサミノグリカン構造はコンドロイチン-4-硫酸を主要構造とするものであり、ヒトトロポモジュリンでは従来知られていない構造のものであった。しかし、この硫酸化グルコサミノグリカンを有する組換ヒトトロポモジュリンの血中半減期をラットにおいて調べたところ、約20分と短いものであった。

【0005】

【発明が解決しようとする課題】 医薬品を疾病の治療に

使用する際、投与された医薬品の血中濃度が有効濃度を長時間にわたって維持することは極めて重要である。すなわちその期待される薬効を発揮するためには医薬品の血中半減期が十分な長さをもっていなければならない。この点は組換え医薬品においても同様であり、血中半減期を長くするためにさまざまな考案がなされている。

【0006】発明者らは、硫酸化グルコサミノグリカンを含む組換えヒトロンボモジュリンの血中半減期が短い原因として、硫酸化グルコサミノグリカンの存在に着目し、この組換えヒトロンボモジュリンをコンドロイチナーゼABCで処理したところ、ラットにおける血中半減期は7.7時間まで延長していた。このことは、組換えヒトロンボモジュリンに付加している硫酸化グルコサミノグリカンを除くれば、血中半減期の長い組換えヒトロンボモジュリンが得られることを示している。

【0007】そこで、発明者らは、前記出願で得られた組換えヒトロンボモジュリンの硫酸化グルコサミノグリカン付加部位を調べた。すなわち、組換えヒトロンボモジュリンを還元後遊離のSH基をカルボキシアミドメチル化し、これをトリプシンで完全消化した後、Dowex1×2によるイオン交換クロマトグラフィー及びアルコール沈殿操作を行い、硫酸化グルコサミノグリカンを含むペプチド断片を分離した。得られたペプチド断片のN末端アミノ酸配列を調べたところ、硫酸化グルコサミノグリカンの付加部位はVal・Asp・Gly・Gly・Asp・Ser・Gly・X・Gly・Glu・Pro・Pro・Proであった(Val:バリン、Asp:アスパラギン酸、Gly:グリシン、Ser:セリン、Glu:グルタミン酸、Pro:プロリン、X:特定できず)。この配列はヒトロンボモジュリンの467番目のバリン以降の配列と一致していた。

【0008】一方、グルコサミノグリカンのペプチド鎖への結合部位周辺のアミノ酸配列に関しては、Ser^{*}-Gly-Xaa-Gly或いは、Gly-Ser^{*}-Glyとその近傍の酸性アミノ酸の存在が重要であることが提唱されている(Xaa:任意のアミノ酸、Ser^{*}:グルコサミノグリカンが結合するセリン)(Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 84, 3194-3198 (1987); J. Cell Biol., 108, 1547-1556 (1989))。またヒトロンボモジュリンでは知られていないが、ウサギヒトロンボモジュリンの一部は、コンドロイチン硫酸様/デルマタン硫酸様グルコサミノグリカンで修飾されており、そのグルコサミノグリカン部分を介してアンチトロンビンIII依存性の抗トロンビン活性を示すことや、硫酸化グルコサミノグリカンの結合位置はO-グリコシル化部位領域にあるセリン・グリシン・セリン・グリシンの配列部分であることが推定されている(J. Biol. Chem., 263, 8044-8052 (1988); Thromb. Res., 54, 27-39 (1989))。

【0009】これらのことから、本発明者らは、組換えヒトロンボモジュリンの硫酸化グルコサミノグリカン付加部位を472番目から476番目のSer・Gly・Ser・Gly・Glu

を含む領域であると予想し、この部位のアミノ酸配列を改変したところ、硫酸化グルコサミノグリカンで修飾されていない組換えヒトロンボモジュリン誘導体を作成することができた。またその血中半減期は、ラットにおいて7時間と延長されていた。本発明はこの知見に基づきなされたものであり、血中半減期が長く、抗凝固薬として有用な新規構造の組換えヒトロンボモジュリンを提供することを目的とする。

【0010】

10 【課題を達成するための手段】本発明の目的は、硫酸化グルコサミノグリカンの付加部位であると予想される部位(O-グリコシル化部位領域中にある472番目から476番目のセリン・グリシン・セリン・グリシン・グルタミン酸周辺)のアミノ酸配列を、アミノ酸の除去・付加或いは置換により変更した組換えヒトロンボモジュリン誘導体により達成される。

【0011】この組換えヒトロンボモジュリン誘導体は、ヒトロンボモジュリン遺伝子のDNAに部位特異的変異の手法を用いて、アミノ酸472番目から476番目のセリン・グリシン・セリン・グリシン・グルタミン酸部分及びその周辺の連続したアミノ酸配列をコードするDNA配列を、除去・付加或いは置換することにより変更したヒトロンボモジュリン誘導体遺伝子を作成し、これを用いて製造することができる。

【0012】ヒトロンボモジュリンの遺伝子は、文献(J. Biochem., 103, 281~285(1988))記載のDNA配列に基づいて作成できるプローブを用いてヒト染色体遺伝子より入手する。この遺伝子は完全長であってもよいし、また実施例で述べるような、アミノ末端領域、EGF様構造領域およびO-グリコシル化部位領域の3つの領域のペプチドをコードする部分長DNAでもよい。すなわちヒトロンボモジュリンの生理活性を損なわず、かつ硫酸化グルコサミノグリカンで修飾される部位が存在する最少限の部分(おそらくはEGF様構造領域とO-グリコシル化部位領域の472番目から476番目のセリン・グリシン・セリン・グリシン・グルタミン酸部分周辺のアミノ酸配列が必要と思われる)をコードする範囲の長さのDNAであればよい。得られたヒトロンボモジュリン誘導体の遺伝子は適当なプロモータ、ターミネータ、シグナル配列等、さらに必要に応じて適当なマーカー遺伝子を付けて適当なベクターに組込まれる。ベクターは動物培養細胞で機能するものであればどのような種類のものでもよい。たとえばSV40ベクター、RSV(ラウス肉腫ウイルス)ベクター、MMTV(マウス乳がんウイルス)ベクターあるいはCMV(サイトメガロウイルス)ベクターなどである。また宿主培養細胞として使用されるものは、とくに限定されないが、CHO細胞やCOS細胞はとくに適している。

【0013】以上のヒトロンボモジュリン遺伝子の入手、発現ベクターの構築、細胞内発現等は全て慣用技術

で行なうことができる(参考「遺伝子操作マニュアル」高木康敬編著、講談社(1982); Maniatis et al. "Molecular Cloning: A Laboratory Manual" Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, New York (1982); Sambrook et al. "Molecular Cloning: A Laboratory Manual 2nd Ed." Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, New York (1989)).

(5') CAGGAGCCTGGCTCCGTCAGGAGCCTGTGCCTCCTCACCCCCAGC(3')

およびこれと部分的に相補鎖を形成するPr-TM-02:

(5') CAGCTGTAATGCCAGCTAAGGTGCTTTGGTAGCAAAGCTGGGGGTGAG(3')

を合成した。これはヒトトロポモジュリン遺伝子の終止コドンの13塩基下流側に相当する部分である。これら二本の合成DNAオリゴマーをアニールさせ部分的二本鎖を形成させた後、dNTPs存在下T4 DNAポリメラーゼ処理により完全二本鎖とした。このDNA断片をT4ポリヌクレオチドキナーゼで5'末端をリン酸化したのち、HincIIで切断したpUC119(市販)とT4 DNAリガーゼで結合させたと同様に3'末端に繰返し挿入されたプラスミドpUCprTM9を得た。このpUCprTM9をEcoRIおよびHindIIIで切断して合成オリゴマー由来の部分を分離し、ニック

【0015】b) ヒトトロポモジュリン遺伝子のクローニング

ヒト染色体DNAをAluIおよびHaeIIIで部分消化してヒト遺伝子ライブラリー(ベクターはCharon 4A)を作成し、このライブラリーから、a)に述べた方法で作成したプローブを用いてブラークハイブリダイゼーションを行いヒトトロポモジュリン遺伝子をスクリーニングした(参考「遺伝子操作マニュアル」高木康敬編著、講談社(1982))。その結果、ヒトトロポモジュリン遺伝子の全長を保持するファージクローン(phage No. 7)のDNAを得た。このDNAをSacIで切断しヒトトロポモジュリン遺伝子を含む6.6kbpのDNA断片を分離した。このDNA断片をpUC119のSacI部位に挿入し図1上段に示すプラスミドp7TM-SacIを得た。図中、TMがヒトトロポモジュリン遺伝子領域を示す。このp7TM-SacIをXhoIおよびNcoIで切断し、Klenowフラグメントを用いて平滑末端としたのちヒトトロポモジュリン遺伝子を含む2.1kbpのDNA断片を分離してpUC119のHincII部位に挿入することにより、ヒトトロポモジュリン遺伝子の5'側がpUC119のHindIII側にくる方向に挿入されたプラスミドp7TM01を得た(図1下段)。このプラスミドの一本鎖DNAを調製し、dideoxy法によりDNA塩基配列を調べて文献(J. Biochem., 103, 281~285 (1988))記載のヒトトロポモジュリン遺伝子のDNA配列と一致することを確認した。

【0016】

【実施例2】発現ベクターの構築

*【0014】

【実施例1】ヒトトロポモジュリン遺伝子の取得

a) プローブの作成

文献(J. Biochem. 103, 281~285 (1988))記載のDNA配列に基づいて合成したDNAオリゴマーを用いてプローブを作成した。即ち、Pr-TM-01:

図2に示すように、プラスミドp7TM01をSphIおよびPvuIIで切断し、ヒトトロポモジュリン遺伝子の開始コドンATGを含む470bpのDNA断片を分離した。この断片をBanIで切断後Klenowフラグメントを用いて平滑末端とし、更にBglIIで切断し、ATGコドンを含む180bpのDNA断片(断片A)を分離した。一方プラスミドp7TM01をSphIで切断後マングベーンヌクレアーゼを用いて平滑末端化し、BglIIで切断して、ベクター部分を含む4.8kbpのDNA断片を分離した。このDNA断片と上記の断片AをT4DNAリガーゼを用いて結合させ、プラスミドp7TM17を作製した。これはp7TM01よりヒトトロポモジュリン遺伝子の5'非コード領域をほぼ取除いたものである。なお5'側のHindIII部位までの間に残っている非コード領域は約30bpである。

【0017】次にこの全長ヒトトロポモジュリン遺伝子にターミネータ配列を結合した。ターミネータ配列にはプラスミドpSV2-gp1(市販)のSV2ターミネータを用いた。図3に示すように、pSV2-gp1をApaIおよびBamHIで切断した後Klenowフラグメントで平滑末端とし、SV2転写終了領域を含む850bpのDNA断片を分離した。この断片を、SalIで切断後Klenowフラグメントで平滑末端化したベクターpUC19に挿入した。転写終了領域の5'側がpUC19のEcoRI側になっている方向に挿入されたプラスミドをとり、pSVT01とした。プラスミドpSVT01をBamHIおよびHindIIIで切断後マングベーンヌクレアーゼで平滑末端とし、転写終了領域を含む850bpのDNA断片を分離した。BstXIおよびXbaIで切断後マングベーンヌクレアーゼで平滑末端化したp7TM17に上記転写終了領域の断片を挿入した。ヒトトロポモジュリン遺伝子と転写終了領域が同方向になっているプラスミドをとりp7TM19とした。

【0018】次に部分長ヒトトロポモジュリンDNAのベクターを作成した。図4に示すように、プラスミドp7TM19をNruIで切断後Bal31S処理し、更にXbaIを作用させた後Klenowフラグメントで末端平滑化した。これをT4DNAリガーゼでセルフライゲーションさせることによりプラスミドpTM507を得た。pTM507の保持する遺伝子によってコードされるヒトトロポモジュリンは、1番目のアラニンから491番目のアラニンまでである(アミノ酸の番号は文献EMBO J., 6, 1891-1897 (1987)に

よる)。

【0019】次にマーカー遺伝子のプロモータ領域を構築した(図5~7)。SV2プロモータ及びSV2ターミネータを有するプラスミドSV2-gptをEcoRIおよびPvuIIで切断後Klenowフラグメントで平滑末端とし、キサンチン・グアニン・フォスホリボシル・トランスフェラーゼ(GPT)遺伝子を含む2.9kbpのDNA断片をとり、これをpUC13のHincII部位に挿入した。SV2プロモータがpUC13のEcoRI側に挿入されたプラスミドをとりpDAI-gptとし(図5)、HindIII側に挿入されたものをpNAN-gptとした(図7)。プラスミドpSV2-gptをEcoRIおよびPvuIIで切断後gptを含む2.9kbpのDNA断片を分離し、EcoRIおよびSmaIで切断したpUC13と結合させた。得られたプラスミドをpTEN-gptとした(図6)。pDAI-gptをHindIIIで切断後Klenowフラグメントで平滑末端とした後SV2プロモータを含む3.0kbpのDNA断片(断片B)を分離した。pDAI-gptをBglIIおよびBamHIで切断後Klenowフラグメントで平滑末端とした後gpt領域を含むDNA断片(1.8kbp)を分離し、断片Bと結合させた。gpt遺伝子が発現される方向に結合したプラスミドをとりpD-gptB-84とした(図5)。pD-gptB-84をXbaIおよびEcoRVで切断しSV2プロモータを含む0.8kbpのDNA断片を分離し、XbaIおよびEcoRVで切断してSV2プロモータを含む部分を取除いたpTEN-gptに挿入した。得られたプラスミドをpT-gptB-23とした(図6)。このpT-gptB-23をHindIIIおよびEcoRVで切断しSV2プロモータを含む0.8kbpのDNA断片を分離し、HindIIIおよびEcoRVで切断してSV2プロモータ部分を取除いたpNAN-gptに挿入した。得られたプラスミドをpN-gptB-16とした(図7)。

【0020】マーカー遺伝子としてはネオマイシン耐性遺伝子(neo^r)を用いた。図8に示すように、プラスミドpSV2-neo(市販)をBglIIおよびBamHIで切断しネオマイシン耐性遺伝子を含む2.3kbpのDNA断片(断片C)を分離した。pN-gptB-16をBglIIおよびBamHIで切断後SV2プロモータおよびアンピシリン耐性遺伝子(Amp^r)を含むDNA断片を分離して、断片Cと結合させプラスミドpB-neoを得た。

【0021】pB-neoをXbaIとBamHIおよびScaIで切断後マングビーンヌクレアーゼで平滑末端とした後、ネオマイシン耐性遺伝子を含む2.7kbpのDNA断片を分離した(図9)。このDNA断片を、BamHIで切断後Klenowフラグメントで平滑末端としたpTMs07と結合させ、ヒトトロポモジュリン遺伝子とネオマイシン耐性遺伝子が同方向に挿入されたプラスミドpTMs07-neoを得た。一方、p0-gal(文献DNA, 8, 127~133(1989))をHindIIIで切断しRSVプロモータを含む0.5kbpのDNAを分離し、この0.5kbp断片をHindIIIで切断したpTMs07-neoと結合させた。プロモータがヒトトロポモジュリン遺伝子を発現させられる方向に挿入されたプラスミドを選び、pRS7TM-neoとした。このプラスミドpRS7TM-neoを有するE. coli

RS7TM-neoは工業技術院微生物工業技術研究所に寄託されている(受託番号: 微工研条寄第2609号、FERM BP-2609, 寄託日: 1989年9月25日)。

【0022】

【実施例3】発現細胞株の樹立

pRS7TM-neo 20 µg を水 440 µl に加えた後2M CaCl₂ 溶液60 µl 添加して1液とした。×2 HBS 液(HEPES 2.5 g, NaCl 3.2g/200ml; pH7.1) 500 µl に×100 リン酸溶液(Na₂HPO₄ 1.253g, NaH₂PO₄ 0.546g/100ml) 10 µl 加えたものを2液とした。2液に少量づつ1液を加えながら攪拌し、室温に30分間放置した。一方、10%FBSを添加したダルベッコ変法イーグル培地「ニッスイ」②(日水製薬、以下DME ②培地という)で1~2 × 10⁵ 個のCHO-K1細胞(大日本製薬(株)カタログ番号: 03-402, 原ATCC No: CCL-61)を75cm² のカルチャーボトル中で一晩培養した。新鮮な同培地10mlと交換してから4時間後上記プラスミド懸濁液を加え、18時間培養した。1g/lのG418(GIBC社製)を含むDME ②培地16mlと交換し培養を継続した。3~4日毎に培地を交換しながら10日間培養した後、限界希釈法によって形質転換株を選出することによりヒトトロポモジュリン生産株CHO-K1RS7TMneo No. 2-9b-29 (以下No. 2-9b-29と略す)を得た。

【0023】

【実施例4】活性型プロテインCの活性測定によるヒトトロポモジュリンの定量(APC法)

33 µl のゼラチンバッファ(0.1%ゼラチン(SIGMA社製、カタログ番号G-2500)、20mM Tris-HCl(SIGMA社製)、0.1M NaCl、0.02% NaN₃; pH7.5)と、50 mM CaCl₂ 6 µl、3 µM ヒトプロテインC(American Diagnostical Inc. 製) 10 µl および測定試料 1 µl を混合して37℃で20分間静置した。これに3.5U/ml のウシトロニン(持田製薬製; 5mM MES, 0.1M NaCl, 0.02% NaN₃, pH6.0に溶解)、10 µl 添加した後37℃で10分間静置後、20 µl のアンチトロニンIII(ノイアート500倍(ミドリ十字製)を20mlの生理食塩水で溶解したもの)および20 µl のヘパリン(SIGMA社製、カタログ番号H-3125; 10,000uを25mlのゼラチンバッファで溶解したもの)を加える。十分に混合した後10 µl を別の容器に移し、90 µl のS-2366(第一化学; ゼラチンバッファで溶解し0.11 mMとしたもの)を加えVmax(Molecular Devices社製)を用いて、ここで生成した活性型プロテインCによって起る単位時間当りの405nmでの吸光度の変化を測定することにより測定試料中のヒトトロポモジュリンを定量する。

【0024】

【実施例5】実施例3で得られたヒトトロポモジュリン生産CHO細胞株No. 2-9b-29を1本当たり2 × 10⁷ 個、G418(1g/l)およびアプロチニン(50U/ml)を含むGIT培地(日本製薬製) 200mlの入ったローラーボトルに接種し、0.3~0.5rpmで培養を行った。2日目に上記培地で

培地交換を行った。4日目に上記培地よりG418を除いた培地と交換した。以降毎日7日目まで培地を交換し、5、6および7日目に回収した培養液を合せ生産物回収の材料とした。

【0025】

【実施例6】実施例5で得られた培養液(880ml)から遠心分離(3000rpm、10分間)および濾過(0.8 μ m メンブランフィルター使用)処理によって固形夾雑物を取除いた後、1.0M Tris-HCl 緩衝液(pH7.5)を添加しpHを7.5に調整した。この液を、0.15M NaClを含む20mM Tris-HCl 緩衝液(pH7.5)で予め平衡化したQ-セファロースファーストフロー(Pharmacia社製)充填カラム(ϕ 2.5 \times 12cm)に流速200ml/時で通した。カラム流量20ml/時の前記緩衝液300mlで洗った後流量100ml/時の20mM Tris-HCl 緩衝液(pH7.5)中で0.15M から1.20M の直線塩化ナトリウム濃度勾配を用いて溶出した(総溶出緩衝液量は1000ml)。溶出液を19mlづつ分画し各フラクションをAPC法により活性を調べた。その結果、フラクションNo.8~15と22~32の二つの活性ピークが検出された(図10参照)。後者のピーク画分を集め画分Aとした。また前者の画分は画分Bとした。

【0026】

カラム: フェニルSPWRP (ϕ 4.6 \times 75 mm, 東ソー社製)
 溶媒A: 0.1% TFA-H₂O (pH \approx 2.0)
 溶媒B: 0.1% TFA-CH₃CN
 濃度勾配: 溶媒Bの比率を開始時10%から50分間で65%に上げた。
 流速: 1 ml/分。
 試料: 20 μ g
 検出: A_{210nm}

結果を図11に示す。TM- α はシングルピークを示した(図11(A))が、TM- β はこのような酸性の溶出条件では溶出されなかった(図11(B))。

※

カラム: フェニルSPWRP (ϕ 4.6 \times 75 mm, 東ソー社製)
 溶媒A: 1 mM NH₄OH (pH \approx 9.5)
 溶媒B: CH₃CN
 濃度勾配: 溶媒Bの比率を開始時10%から50分間で65%に上げた。
 流速: 1 ml/分。
 試料: 80 μ g
 検出: A_{210nm}

図12に示すようにこの条件下では保持時間13.0分でシングルピークとして溶出され、TM- β を純化することができた。精製されたTM- α 及びTM- β は何れもSDS-ポリアクリルアミド電気泳動で単一バンドを示していた。

【0029】TM- α 及びTM- β について、そのN末端側のアミノ酸配列をペプチドシーケンサー(Applied Biosystems社製、470A型)を用いて5番目まで調べたところ、いずれもAla-Pro-Ala-Glu-Proであった。これは文

カラム: DEAE-NPR (ϕ 4.6 \times 35 mm, 2.5 μ m, 東ソー社製)
 溶媒A: 20mM Tris-HCl(pH 7.5)
 溶媒B: 1.2M NaCl - 20mM Tris-HCl(pH 7.5)

*【実施例7】さらに各画分A、Bをアフィニティークロマトグラフィーで精製した。予め0.15M NaClを含む20mM Tris-HCl 緩衝液(pH7.5)で平衡化した抗ヒトロンボモジュリンIgG 結合セルロファイン(ホルミルセルロファイン(チッソ社製)に抗ヒトロンボモジュリンIgGを約5mg/mlゲルの割合で結合させたもの)充填カラム(ϕ 1.5 \times 6cm)に、2倍量の20mM Tris-HCl 緩衝液(pH7.5)で希釈した画分A(又はB)を流量20ml/時で通した。このカラムを流量30ml/時で0.35M NaClを含む20mM Tris-HCl 緩衝液(pH7.5)で洗浄した後流量30ml/時の3.0M チオシアン酸カリウムを含む20mM Tris-HCl 緩衝液(pH7.5)150mlで溶出した。この溶出液を集め限外濾過膜(ダイアフロームメンブレンYM30、 ϕ 76mm)を装着した限外濾過装置で約5mlに濃縮した。これに100mlの0.15MのNaClを含む20mM Tris-HCl 緩衝液(pH7.5)を加えて再度同様に約5mlに濃縮した。この操作を更に二度繰返したのち、 ϕ 43mmのYM30を用いて最終的に1mlに濃縮した。

【0027】こうして得た画分Aからの活性物質をTM- β 、画分Bからの活性物質をTM- α とした。各試料について逆相HPLCを行なった。

* 溶出条件は以下の通りである。

※【0028】そこで溶出条件を下記のようなアルカリ条件に変えてHPLC分析を行なった。

献(EMBO J., 6, 1891~1897(1987))記載のヒトロンボモジュリンのN末端アミノ酸配列と一致する。TM- α とTM- β のHPLCでの挙動の違いから、TM- β は酸性糖鎖が付加したものであると推測された。

【0030】なお図13はTM- β のイオン交換クロマトの溶出パターンである。その溶出条件は下記の通りである。

11

濃度勾配: 5分間、溶媒Bを10%、その後50分間で10から90%に上げた
 流速: 0.8 ml/分。
 試料: 60~70 μ g
 検出: A_{210nm}

【0031】

【実施例8】 TM- β のコンドロイチナーゼABC処理

ヒトロンボモジュリンでは知られていないが、ウサギヒトロンボモジュリンの一部は、コンドロイチン硫酸様/デルマタン硫酸様グルコサミノグリカンで修飾されており、そのグルコサミノグリカン部分を介してアンチトロンビンIII依存性の抗トロンビン活性を示すことが報告されており、硫酸化グルコサミノグリカンの重要性が示されている(J. Biol. Chem., 263, 8044~8052 (1988); Thromb. Res., 54, 27~39 (1989))。そこで酸性物質である TM- β について硫酸化グルコサミノグリカンの有無を調べた。まずコンドロイチン硫酸やデルマタン硫酸を特異的に分解して硫酸化不飽和二糖を生成するコンドロイチナーゼABCで TM- β を処理した。コンドロイチナーゼABC(プロテアーゼフリー、1U/バイアル; 生化学工業製)凍結乾燥粉末の入ったバイアルに 620 μ l の 0.1M NaCl を含む 50mM Tris-HCl 緩衝液(pH8.0) と 30 μ l の 1.0M 酢酸ナトリウム水溶液を加え酵素を溶解した。これに、350 μ l の TM- β 溶液(3.4mg/ml, 0.1M NaCl-20mM Tris-HCl 緩衝液(pH7.5))を加えよく攪拌した後37℃*

カラム: Shim-pack CLC-NH₂, ϕ 6.0 \times 150 mm (島津製作所製)

溶媒A: 10 mM NaH₂PO₄

溶媒B: 500 mM NaH₂PO₄

流量: 1.2 ml/分

溶出条件: 試料注入後5分間は溶媒Aのみで流し、その後40分間で溶媒Bの比率を最終80%まで直線的に高めた。

検出: 232nm におけるUV吸収

この本条件下で試料中の主要ピークの保持時間は24.7分であった(図14)。このピークを示す不飽和二糖を便宜上 Δ Di-XSとして図面に示す。この保持時間は市販の標準2-acetamido-2-deoxy-3-O-(β -D-glucopyranosyluronic acid)-4-O-sulfo-D-galactose (以下 Δ Di-4Sと略す; 生化学工業社製)の保持時間と一致した。さらに、本試料(Δ Di-XS)と Δ Di-4Sを混合して上記条件下で分析を行うと、試料中の主要ピーク(保持時間24.7分)に相応の増加が見られた(図15)。 Δ Di-4Sはコンドロイチン-4-硫酸やデルマタン硫酸をコンドロ※

カラム: Shim-pack CLC-NH₂, ϕ 6.0 \times 150mm (島津製作所製)

溶媒: アセトニトリル: メタノール: 0.5M 酢酸アンモニウム緩衝液(pH4.8)

流量: 1.5ml/分

検出: 232nm のUV吸収

この条件下でも試料中の主要ピークの保持時間(21.3分)は予想分解産物 Δ Di-4Sの保持時間と一致していた(図示せず)。

【0035】

*で16時間反応させた。なお TM- β の定量は、TM- α の凍結乾燥粉末を標準試料にして、ELISA(enzyme-linked immunosorbent assay法)により行なった。このときの重量換算は、SDS-電気泳動の泳動度から、TM- α の分子量を70kD、TM- β の分子量を85kDとして行なった。

【0032】

【実施例9】 HPLC装置(LC-6AD; 島津製作所製)に装着したTSKgel Phenyl SPW RP (ϕ 4.6 \times 75mm; 東ソー社製)をあらかじめ流量1.0ml/分の条件下で 10%CH₃CN を含む1mMNH₄OH 溶液で平衡化しておき、この条件下で連続的に通液中のカラムに実施例8で得た反応液を注入した。この操作により大部分の蛋白質はカラムに吸着されるが、反応生成物である不飽和二糖は吸着されないで通過する。この通過画分を回収し凍結乾燥し、その凍結乾燥粉末を1.0 mlの水に溶解しHPLCによる同定の試料とした。

【0033】

【実施例10】 実施例9で得られた試料を下記の条件でHPLCによる分析を行った。

※イチナーゼABCで処理した場合の分解産物として知られているものであり、TM- β の主要修飾糖鎖はコンドロイチン-4-硫酸又はデルマタン硫酸であると推測できた。なお図14、15における保持時間16.1分のピークは試料中に混在するSCN⁻イオン(実施例7の操作により混入)によるピークである。

【0034】

【実施例11】 実施例9で得られた試料について実施例10とは異なる下記の条件でHPLCによる分析を行った。

【実施例12】 次に TM- β 修飾糖鎖がコンドロイチン-4-硫酸であるのかデルマタン硫酸であるのか明らかにするため、コンドロイチナーゼAC Iフラボ(コンドロイチン-4-硫酸を特異的に分解して硫酸化不飽和二糖を生成

するが、デルマタン硫酸は分解できない)でTM-βを処理した。50μlのTM-β溶液(3.4mg/ml, 0.15M NaCl-20mM Tris-HCl 緩衝液(pH7.5))に50μlの0.4M Tris-HCl 緩衝液(pH7.5)と50μlの0.4M 酢酸ナトリウム溶液と50μlの0.1% BSA溶液および200μlの水を加え、更にこれに予め0.1% BSA溶液に1U/mlの濃度で溶かした市販コンドロイチナーゼAC Iフラボ(1.6U/バイアル:生化学工業製)溶液100μlを添加した後よく攪拌し37℃で6時間反応させた。得られた反応液から、実施例9と同様に不飽和二糖画分を集め、実施例10、11と同様の条件でHPLCにかけたところ、いずれも実施例10、11と同様に予想分解産物ΔDi-4Sと同じ保持時間を持つピークが観察された。図16は実施例10と同一条件下でのHPLC溶出パターンである。従ってTM-βの修飾糖鎖はコンドロイチン-4-硫酸であると推測できた。

【0036】

【実施例13】さらにTM-βの修飾糖鎖はコンドロイチン-4-硫酸であることの確証を得るため、TM-βの予想分解産物ΔDi-4Sに特異的に作用し脱硫酸するコンドロ-4-スルファターゼでΔDi-4Sを処理した。実施例9で得られた試料50μlに10μlの0.4M Tris-HCl 緩衝液(pH7.5)と10μlの0.4M 酢酸ナトリウム溶液と10μlの0.1%BSA溶液および10μlの水を加え、これに2μlの市販コンドロ-4-スルファターゼ(1U/ml 0.1%BSA:生化学工業製)を添加しよく攪拌した後37℃で1時間反応させた。100℃2分間加熱して反応を停止させた後ただちに実施例10に述べた条件によりHPLCを用いた分析を行った。その結果、保持時間24.7分のピークが減少し、新たに保持時間15.6分のピークが観察された(図17(C))。この保持時間は市販の標準2-acetamido-2-deoxy-3-O-(β-D-glucopyranosyl uronic acid)-D-galactose(以下ΔDi-OSと略す)と一致した(図17(A))。さらに市販のΔDi-4Sと2-acetamido-2-deoxy-3-O-(β-D-glucopyranosyluronic acid)-6-O-sulfo-D-galactose(以下ΔDi-6Sと略す:生化学工業製)を各2.5μgずつコンドロ-4-スルファターゼで処理し同様の条件でHPLCによる分析を行った。その結果ΔDi-4Sでは保持時間がΔDi-OSと等しいピークを生じた(図17(B))。しかしコンドロイチン-6-硫酸の分解産物として知られているΔDi-6Sではコンドロ-4-スルファターゼ処理によるピークの移動は観察されなかった(図17(D))。以上の結果から本発明の組換えヒトロンボモジュリン(TM-β)はコンドロイチン-4-硫酸を基本とする硫酸化グリコサミノグリカン有することが判明した。なおΔDi-4S生成量をHPLCでのピーク面積から換算した結果、組換えヒトロンボモジュリンからその1分子当たり平均20~25分子の上記ΔDi-4Sがコンドロイチナーゼ処理により生成するものと推測できた。

【0037】

【実施例14】TM-βの抗凝固活性の測定

54nMウシトロンビン(表1中ではTと略す)の生理食塩水溶液(持田製薬製)100μl、ウシフィブリノーゲン(タイプ2; 3mg/ml, 20mM Tris-HCl, 0.15M NaCl, pH 7.5; 第一化学薬品製)100μlおよび0.9% NaCl, 1mg/ml BSA, 0.1% ルブロールPXに溶解した0.54, 1.08あるいは1.62nMのTM-β100μlを混合して反応を開始し、凝固までの時間を測定した。測定は血液凝固自動測定器クロテックII(メテック社製)を使用して行った。その結果は次の通りである。数値の単位は秒で示してある。

【0038】

【表1】

| T: TM-β | 1:0 | 1:1 | 1:2 | 1:3 |
|---------|------|------|------|------|
| 凝固時間 | 21.0 | 32.3 | 52.5 | 90.0 |

【0039】表に示すように硫酸化グリコサミノグリカン鎖を有するヒトロンボモジュリン、TM-βはトロニンの凝固活性を抑制していた。

【0040】

【実施例15】TM-βによるトロニンのプロテインC活性化の促進

1ml当たり20, 15, 8, 6, 4, 2及び1μgのTM-β溶液を作り、これを測定試料として実施例4の方法で活性化プロテインCを生成させた。生成した活性化プロテインCによって起こる1分間当りの吸光度(OD₄₀₅)変化を図18に示す。図に示すように、硫酸化グリコサミノグリカン鎖を有するヒトロンボモジュリン、TM-βはトロニンによるプロテインC活性化を促進していた。

【0041】

【実施例16】コンドロイチナーゼABC処理したTM-βの血中濃度半減期

TM-βを実施例8と同様な方法でコンドロイチナーゼABC処理し、実施例9と同様にHPLCカラムに注入し、カラムをよく洗浄して反応生成物である不飽和二糖を除去した。次に、カラムに吸着保持されたコンドロイチナーゼABC処理TM-βを1mM NH₄OH-アセトニトリル(5-65%の直線濃度勾配)で溶出し、これを集めて凍結乾燥した。この凍結乾燥標品を0.9% NaCl, 0.1% ルブロールPX, 1mg/ml BSAに溶解して、以下の実験に用いた。

【0042】

ウイスター系雄性ラット(静岡実験動物)11週齢をベントバルビタール(商品名、ネンブタール:大日本製薬製)麻酔下で、コンドロイチナーゼABC処理TM-βを0.2 mg/kgの用量で大腿静脈から投与した。投与後、5, 10, 30, 60, 120, 300分にクエン酸加血(3.13%クエン酸ナトリウム・2水塩:血液=1:9)を採取し、遠心操作(3,000 rpm, 10分)により血漿を得た。この血漿をPBS(0.02%ルブロールPX含有)で100倍希釈して、ELISAで血中のコンドロイチナーゼABC処理TM-β量を定量した。TM-β量の換算は実施例8と同様TM-α

凍結乾燥粉末を標準試料として行った。

【0043】 図19に示すように、コンドロイチナーゼABC処理 TM-β (●) の血中濃度半減期は7.7時間であり、未処理 TM-β の場合 (○) の血中濃度半減期約20分に比べ、著しく延長していた。なお、コンドロイチナーゼABC処理 TM-β は、トロンビンによるプロテインC活性化の促進作用を失うことはなかった。従って、硫酸化グルコサミノグリカン鎖で修飾されないヒトトロンボモジュリン誘導体を作ることができれば、TM-β よりも血中半減期の長い組換えヒトトロンボモジュリンとすることが期待できる。

【0044】

【実施例17】 ヒトトロンボモジュリン誘導体遺伝子の作成とその発現ベクターの構築

部分長ヒトトロンボモジュリン遺伝子を有するプラスミドpTMS07を、BssHIIおよびNheIで切断後Klenowフラグメントで平末端とし、self-ligationさせ、約1.3kbpのBssHII-NheI断片が除去されたプラスミドpTMS07を得た(図20上段)。別途DNAオリゴマーMut-TMSG-2: (5') GCTGCCAGAGTCGCCACCG(3') を合成し、Kunkel法(文献: Sambrook et al.: "Molecular Cloning: A Laboratory Manual, 2nd Ed." Vol.2, p15.74, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, New York (1989))により部位特異的変異の手法を用いてpTMS07に変異を導入した。実験に当たっては部位特異的変異実験キット「MutanTM-K」(宝酒造製)を使用した。即ち概略を述べると以下の通りである(図20、21)。

【0045】 i) dUを含むssDNAの取得

pTMS07をE.coli MV1184に保持させ、この菌を2×YT培地(10μg/mlのテトラサイクリン、30μg/mlのストレプトマイシンを含む)で前培養した。この培養液30μlを2×YT培地(150μg/mlのアンピシリンを含む)3mlに接種し、ファージM13K07をm.o.i.=2~10で感染させ、37℃30分静置後70μg/mlとなるようにカナマイシンを加えて一夜37℃で振盪培養した。遠心分離で上清を集め0.22μmのメンブランフィルターで濾過した後、この上清20μlとE.coli BW313の培養液80μlを混合し37℃10分静置後適量をLB-プレート(150μg/mlのアンピシリンを含む)にひろげ37℃でコロニーを形成させた。シングルコロニーを2×YT培地(150μg/mlのアンピシリンを含む)で前培養し、この培養液1mlを2×YT培地(150μg/mlのアンピシリンを含む)100mlに接種しファージM13K07をm.o.i.=2~10で感染させた。37℃30分静置後70μg/mlとなるようにカナマイシンを加えて一夜37℃で振盪培養した。遠心分離で上清を回収した。上清に20%PEG6000/2.5M NaCl溶液25mlを加え攪拌し、室温で10分放置後遠心分離で沈澱を集めた。TE緩衝液5mlに溶かし等量の中和フェノールを加えて攪拌後10分静置した。遠心分離で水層を回収し、等量の中和フェノール:クロロホルム:イソアミルアルコ

ール(25:24:1)を加えて攪拌後10分静置した。遠心分離で水層を回収し、等量のクロロホルム:イソアミルアルコール(24:1)を加えて攪拌後10分静置した。遠心分離後水層を回収し、3M酢酸アンモニウム、pH8.0を500μl、イソプロピルアルコール5mlを加えて攪拌後、遠心分離して沈澱を集めた。沈澱を70%エタノールで洗い、減圧乾燥した後50μlのTE緩衝液に溶解した。

【0046】 ii) 部位特異的変異の導入

10pmolの上記合成オリゴマーMut-TMSG-2をATP存在下T4ポリヌクレオチドキナーゼによって5'末端をリン酸化(反応溶液の最終容量は10μl)した。この溶液1μlとi)で得たssDNA溶液(0.2pmol/10μlアニール緩衝液)1μlを混合し65℃15分、37℃静置することによりハイブリダイズさせた。これにdNTPs存在下E.coli DNAリガーゼ、T4 DNAポリメラーゼを加え(反応溶液27μl)25℃2時間静置後、3μlの0.2M EDTA、pH8.0を加え65℃5分静置し反応を停止させた。この反応液3μlをE.coli BMH71-18mutSコンピテントセルに混合し0℃30分、42℃45秒、0℃1~2分静置した後、SOC培地300μlを加え、37℃1時間振盪培養した。これにM13K07ファージを感染させ37℃30分静置し、2×YT培地(150μg/mlのアンピシリン、70μg/mlのカナマイシンを含む)1mlを加え37℃で一夜振盪培養した。遠心分離で回収した上清20μlをE.coli MV1184培養液80μlを混合し、37℃10分静置後LB-プレート(150μg/mlのアンピシリンを含む)にひろげ37℃でコロニーを生育させた。これより部分特異性変異の導入されたプラスミドpM2TMD07を得た(図20下段)。

【0047】 pM2TMD07をNheI及びSalIで切断後変異導入部位を含む約260bpのDNA断片を分離した。この断片をpRS7TM-neoをNheI及びSalIで切断後分離したプロモーターを含むDNA断片と結合させ、欠損変異ヒトトロンボモジュリン遺伝子と発現させるためのベクターpRS7M2TM-neoを作成した(図21)。このプラスミド・ベクターpRS7M2TM-neoを有するE.coli RS7M2TM-neoは工業技術院微生物工業技術研究所に寄託されている(受託番号: 微工研条寄第3177号)。

【0048】

【実施例18】 実施例3と同様の方法で、pRS7M2TM-neoを用いてCHO-K1細胞を形質転換し、組換え欠損変異ヒトトロンボモジュリン誘導体(以下MTM10と称する)の発現細胞株CHO-K1RS7M2TM neo No.14-50(以下o.14-50と略す)を得た。

【0049】

【実施例19】 実施例5と同様の方法で、MTM10生産細胞株No.14-50をローラーボトルで培養し、5、6及び7日目に回収した培養液を合わせ生産物回収の材料とした。

【0050】

【実施例20】実施例19で得られた培養液(4L)から遠心分離(3,000rpm,10分)および濾過(0.45 μ mメンブランフィルター使用)処理によって固形夾雑物を取り除いた後、1.0M Tris-HCl 緩衝液(pH7.5)を添加しpHを7.5に調整した。この液を0.15M NaClを含む20mM Tris-HCl 緩衝液(pH7.5)で予め平衡化したQ-セファロースファーストフロー(Pharmacia 社製)充填カラム(ϕ 5 \times 10cm)に流速30ml/分で通した。カラム流量20ml/分の前記緩衝液200mlで洗った後流量20ml/分の0.5M NaClを含む20mM Tris-HCl 緩衝液(pH7.5)600mlで溶出した。溶出成分中のMTM10をELISA法(二種類の抗ヒトトロポモジュリン・モノクロナル抗体を用いたサンドイッチ法)で定量したところ、回収率は99%であった。

【0051】

【実施例21】実施例20の活性成分をアフィニティクロマトグラフィーで精製した。予め0.15M NaClを含む20mM Tris-HCl 緩衝液(pH7.5)で平衡化した抗ヒトトロポモジュリンIgG結合セルロファイン(ホルミルセルロファイン(チッソ社製)に抗ヒトトロポモジュリンIgGを約5mg/mlゲルの割合で結合させたもの)充填カラム(ϕ 2.5 \times 9cm)に活性成分を流量60ml/時で通した。このカラムを流量60ml/時で0.35M NaClを含む20mM

カラム: フェニル5-PWRP

(ϕ 4.6 \times 75mm, 東ソー社製)

溶媒A: 0.1% TFA-H₂O

溶媒B: 0.1% TFA-CH₃CN

濃度勾配: 溶媒Bの比率を開始時20%から60分間で60%に上げた。

流速: 1ml/分、

試料: 20 μ g

検出: A_{210nm}

結果は図22に示ように、MTM10はシングルピークを示した。MTM10について、そのN末端側のアミノ酸配列をペプチドシーケンサー(Applied Biosystems 社製、470A型)を用いて5番目まで調べたところ、主なものはAla-Pro-Ala-Glu-Proであった。これは文献(EMBO J., 6, 1891-1897 (1987))記載のヒトトロポモジュリンのN末端アミノ酸配列と一致する。

【0053】

【実施例23】MTM10のコンドロイチナーゼABC処理
MTM10がコンドロイチン硫酸を保持しているかどうかを調べた。コンドロイチナーゼABC(プロテアーゼフリー、1U/バイアル; 生化学工業製)凍結乾燥粉末の入ったバイアルに620 μ lの0.1M NaClを含む50mM Tris-HCl緩衝液(pH8.0)と30 μ lの0.1M酢酸ナトリウム水溶液を加え酵素を溶解した。これに、350 μ lのMTM10溶液(5.0mg/ml, 0.1M NaCl-20mM Tris-HCl 緩衝液(pH7.5))を加えよく攪拌した後37℃で16時間反応させた。反応生成物と未反応のMTM10とを、実施例7と同様の条件で逆相HPLCを行なったところ、両者の保持時間は一致していた(図示せず)。このことはMTM10はTM-

* Tris-HCl 緩衝液(pH7.5)で洗浄した後60ml/時のチオシアン酸ナトリウムを含む20mM Tris-HCl 緩衝液(pH7.5)400mlで溶出した。この溶出液を集め限外濾過膜(ダイアフローメンブレンYM30, ϕ 76mm)を装着した限外濾過装置で約5mlに濃縮した。これに100mlの0.15M NaCl含有20mM Tris-HCl 緩衝液(pH7.5)を加えて再度同様に約5mlに濃縮した。この操作を更に二度繰り返した後、 ϕ 43mmの限外濾過膜YM30を用いて最終的に22mlに濃縮した。

10 【0052】

【実施例22】実施例21のようにして得られた合計5ロット分のMTM10成分を合わせて(合計容量約100ml)ゲル濾過クロマトグラフィーを行った。予めPBS(1l中にKClを200mg, KH₂PO₄を200mg, NaClを8g, Na₂PO₄・7H₂Oを2.16g含有している)で平衡化したセファクリルS-300HR(Pharmacia 社製)充填カラム(ϕ 5.0 \times 95cm)にMTM10成分を流量5ml/分で通した。カラム流量5ml/分のPBSで溶出させ、溶出液を15mlづつ分画した。41番目から47番目までのフラクションを集め、40mlに濃縮した。こうして得たMTM10の精製物について、実施例7と同様の方法で逆相HPLCを行った。溶出条件は以下の通りである。

β と異なりコンドロイチナーゼABCで切断されるグルコサミノグリカンで修飾されていないことを示している。

【0054】

【実施例24】MTM10の血中半減期

9-10週令のウイスター系ラット(雄、250g前後)にベントバルビタールで麻酔後、MTM10を投与量1mg/kgで大腿静脈から投与した。経時的に採血し、実施例16と同様にELISA法で血中残存量を測定した。その結果MTM10の血中半減期は約7時間であった(図23)。以上のように、TM- β を修飾しているコンドロイチン硫酸が結合していると予想される部位のアミノ酸配列を変更することにより作製した誘導体MTM10は、コンドロイチナーゼABCで切断されるような硫酸化グルコサミノグリカンで修飾されていないため、血中半減期が長いものと考えられる。

【0055】

【実施例25】MTM10によるトロンビンのプロテインC活性化促進能

40、20、15、10および5nMのMTM10溶液を作り、これ

を測定試料とした。この測定試料6 μ lを、32 μ lの緩衝液A(20mM Tris-HCl(SIGMA社製)、0.15M NaCl、0.5%BSA(SIGMA社製、カタログ番号A-4378):pH7.4)、50mM CaCl₂ 6 μ l、3 μ MヒトプロテインC(American Diagnostica Inc. 製) 10 μ lに混合した。これに100nMヒトトロンビン(SIGMA社製、カタログ番号T-3010;緩衝液Aに溶解) 6 μ lを添加後37℃で15分静置し、20 μ lのアンチトロンビンIII(ノイアート500倍(ミドリ十字製)を20mlの生理食塩水で溶解後、更に緩衝液B(50mM Tris-HCl(SIGMA社製)、0.1M NaCl、1mM CaCl₂; pH8.0)で2.5倍希釈したもの)および20 μ lのヘパリン溶液(SIGMA社製、カタログ番号H-3125:400u/mlとなるようゼラチンバッファー(0.1%ゼラチン(SIGMA社製、カタログ番号G-2500)、20mM Tris-HCl、0.1M NaCl、0.02%NaN₃; pH7.5)で濃度を調整したもの)を加えた。充分に混合した後100 μ lのS-2366(第一化学:ゼラチンバッファーで2.0mMに調整した後緩衝液Bで0.4mMとしたもの)を加えVmax(Molecular Devices社製)を用いて、ここで生成した活性型プロテインCによって起こる単位時間当たりの405nmでの吸光度の変化を測定することにより測定試料中のMTM10の補酵素活性を調べた。生成した活性化プロテインCによって起こる1分間当たりの吸光度(OD₄₀₅)の変化を図24に示す。図に示すように、MTM10はトロンビンによるプロテインC活性化を促進していた。

【0056】

【実施例26】MTM10の抗凝固活性の測定

54nMウシトロンビン(表2中でTと略す)の生理食塩水溶液(特田製薬製) 100 μ l、ウシフィブリノーゲン(タイプ2:3mg/ml、20mM Tris-HCl、0.15M NaCl、pH7.5;第一化学薬品製) 100 μ lおよび0.9%NaCl、1mg/ml BSA、0.1%ルブロールPXに溶解した0、54、108あるいは162nMのMTM10溶液100 μ lを混合して反応を開始し、凝固までの時間を測定した。測定は血液凝固自動測定器クロテックII(メテック社製)を使用して行った。その結果は次の通りである。数値の単位は秒で示してある。

【0057】

【表2】

| T: MTM10 | 1:0 | 1:1 | 1:2 | 1:3 |
|----------|------|------|------|------|
| 凝固時間 | 35.0 | 40.5 | 46.0 | 53.4 |

【0058】表に示すように、MTM10はトロンビンの凝固活性を抑制していた。

【0059】

【発明の効果】以上のように、本発明の組換えヒトトロンボモジュリン誘導体は、硫酸化グルコサミノグリカンが付加しないようにアミノ酸配列を変更した新規構造の組

換えヒトトロンボモジュリン誘導体であり、DNA配列を改変しないで作られた従来の組換えヒトトロンボモジュリンに比べ、血中半減期が長い。一方、従来の組換えヒトトロンボモジュリンと同様、トロンビンの凝固活性を抑制する能力と、トロンビンによるプロテインC活性化に対する促進能は失われていない。従って、本発明の組換えヒトトロンボモジュリン誘導体(MTM10)は、新たな抗凝固薬として有用性が高い。

【図面の簡単な説明】

10 【図1】ヒトトロンボモジュリン遺伝子を含んだプラスミドp7TM01の構築図である。

【図2】5'非コード領域をほぼ取除いた全長ヒトトロンボモジュリン遺伝子を有するプラスミドp7TM17の構築図である。

【図3】全長ヒトトロンボモジュリン遺伝子にターミナータ配列が結合されているプラスミドp7TM19の構築図である。

20 【図4】プラスミドp7TM19より得た部分長ヒトトロンボモジュリン遺伝子を有するプラスミドp7TM507の構築図である。

【図5】プラスミドpD-gpIB-84の構築説明図である。

【図6】プラスミドpTEN-gpIB-23の構築説明図である。

【図7】プラスミドpN-gpIB-16の構築説明図である。

【図8】マーカー遺伝子であるneo'を含むプラスミドpB-neoの構築説明図である。

【図9】ヒトトロンボモジュリン発現ベクターpRS7TM-neoの構築説明図である。

30 【図10】ヒトトロンボモジュリン生産細胞の培養液のQ-セファロース・カラムクロマトグラムの溶出パターン図である。

【図11】組換えヒトトロンボモジュリンの活性物質TM- α 、TM- β の酸性条件下における逆相HPLCによる溶出パターン図である。図中(A)はTM- α の、(B)はTM- β の溶出パターン図を示す。

【図12】TM- β の弱アルカリ条件下における逆相HPLCによる溶出パターン図である。

【図13】TM- β のイオン交換クロマトグラムの溶出パターン図である。

40 【図14】TM- β をコンドロイチナーゼABC処理して得た不飽和二糖(Δ Di-XS)のHPLC溶出パターン図である。

【図15】TM- β をコンドロイチナーゼABC処理して得た不飽和二糖(Δ Di-XS)に、 Δ Di-4Sを混合して行なったHPLC溶出パターン図である。

【図16】TM- β をコンドロイチナーゼAC1フラボ処理して得た不飽和二糖のHPLC溶出パターン図である。

【図17】 Δ Di-XS及び標準試料などをコンドロ-4-スルファターゼ処理したもののHPLC溶出パターン図である。

50 【図18】TM- β によるトロンビンのプロテインC活性

21

22

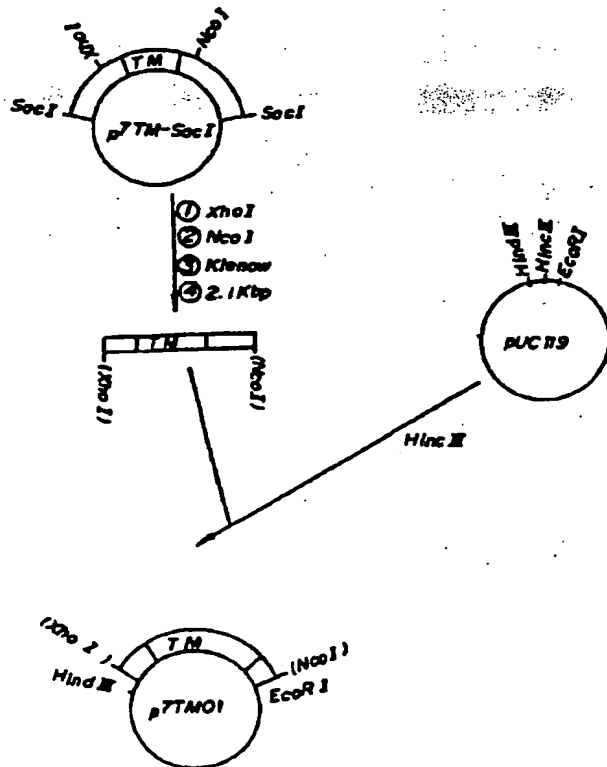
化促進効果を示す図である。

【図19】コンドイチナーゼABC処理したTM-βおよび未処理TM-βのラット血中濃度半減期を示す図である。図中、-○-は未処理TM-βの場合、-●-はコンドイチナーゼABC処理TM-βの結果を示す。

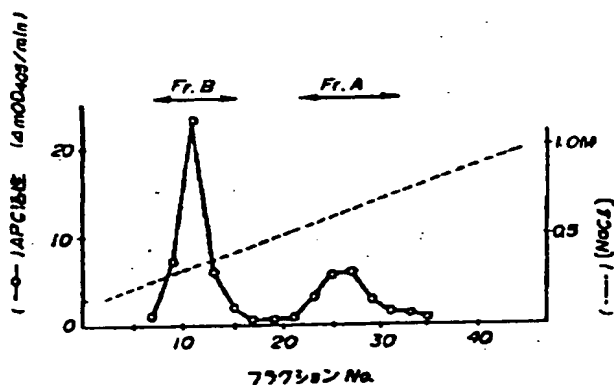
【図20】部分長ヒトトロンボモジュリン遺伝子部分に部分的特異変異を導入したプラスミドpM2TMD07の構築説明図である。

【図21】ヒトトロンボモジュリン誘導体の発現ベクターpRS7M2TM-neoの構築説明図である。

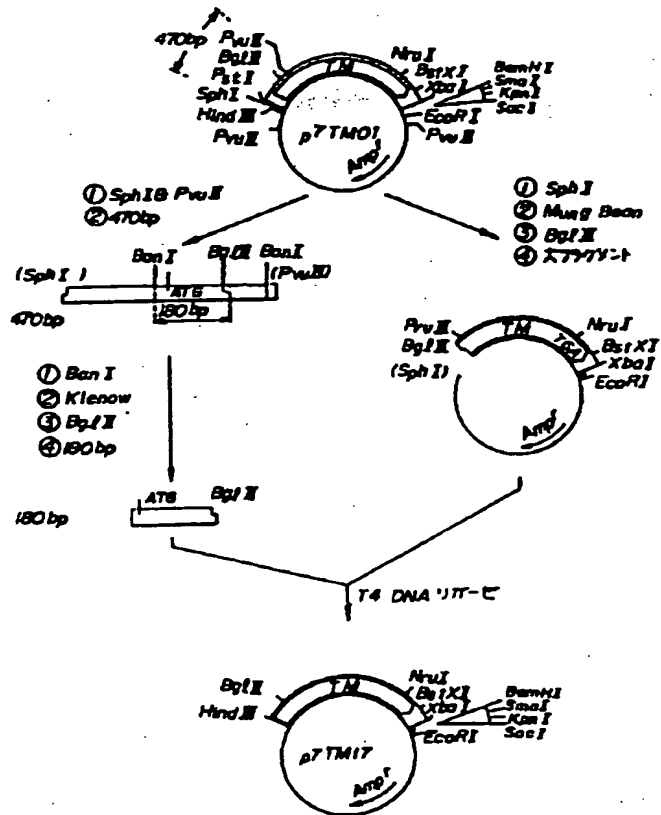
【図1】



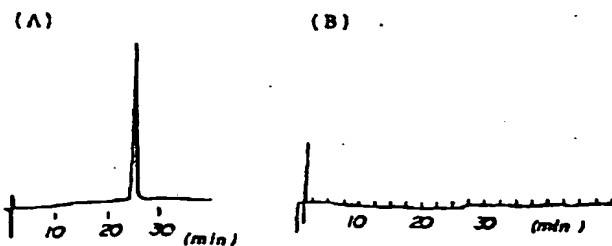
【図10】



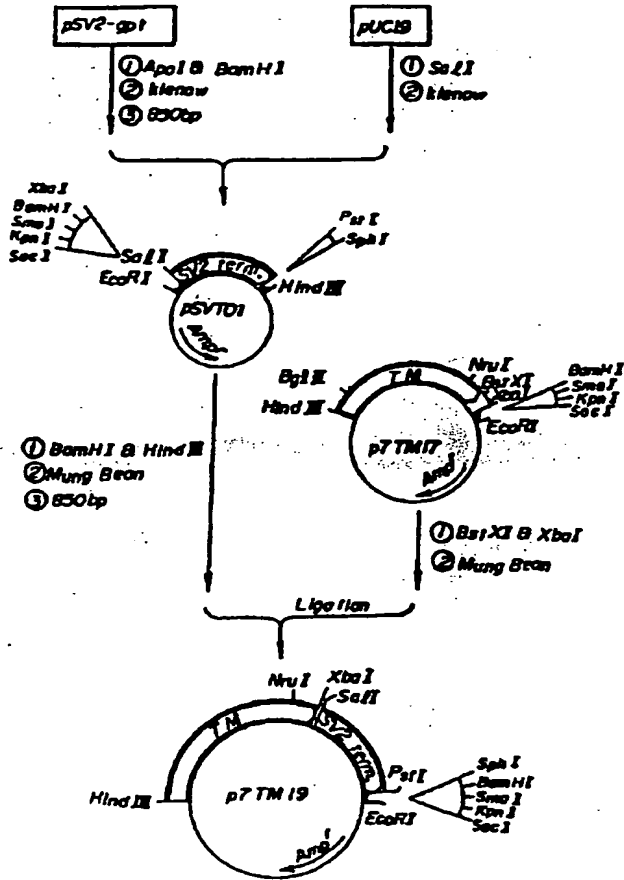
【図2】



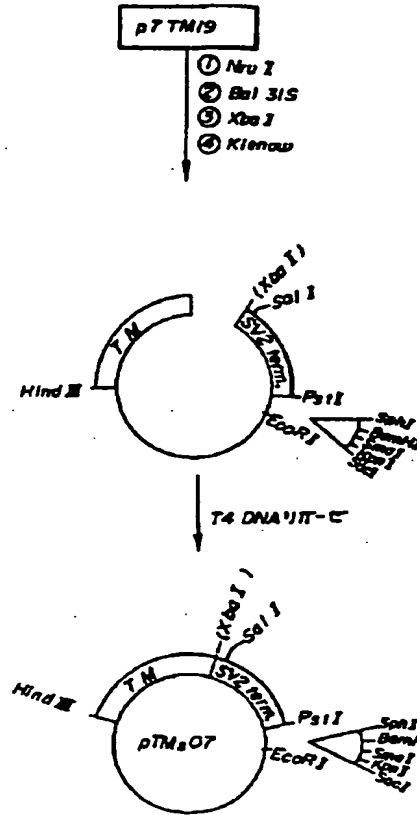
【図11】



【図3】



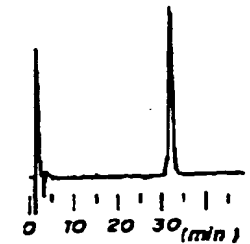
【図4】



【図12】



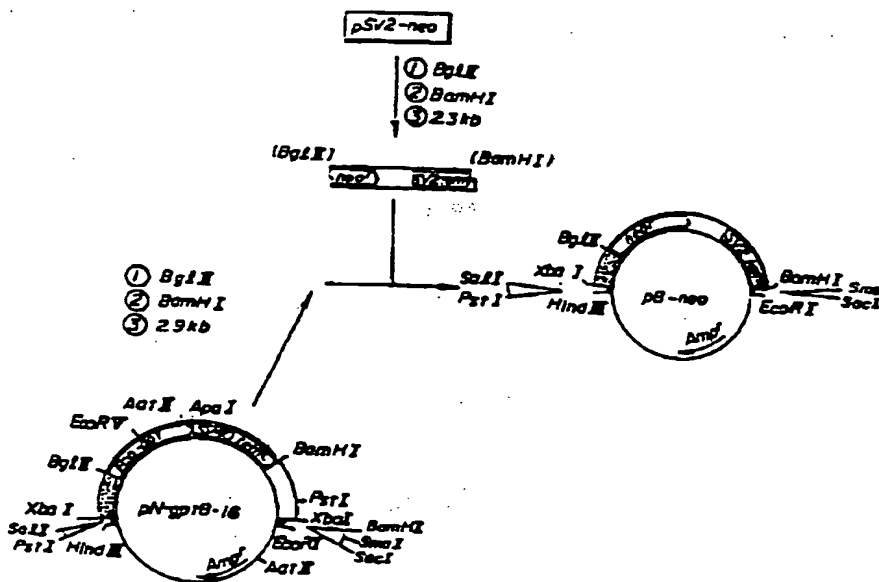
【図22】



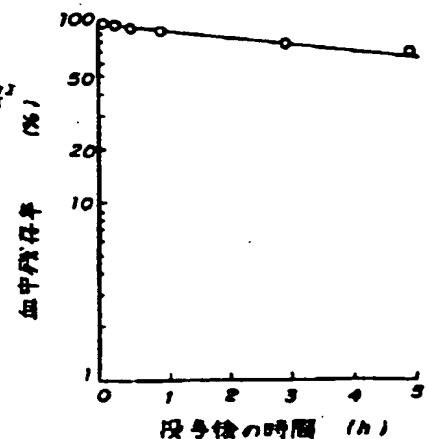
【図13】



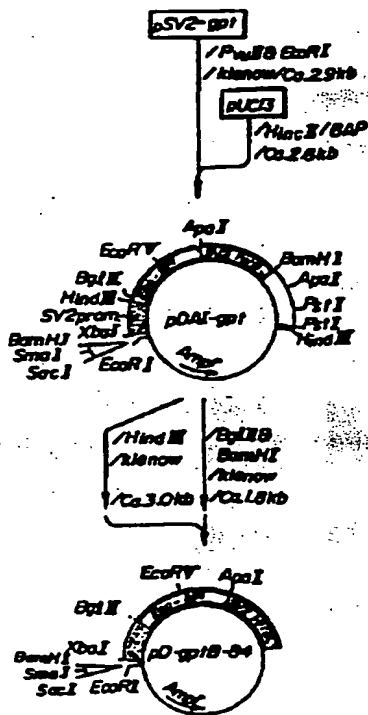
【図8】



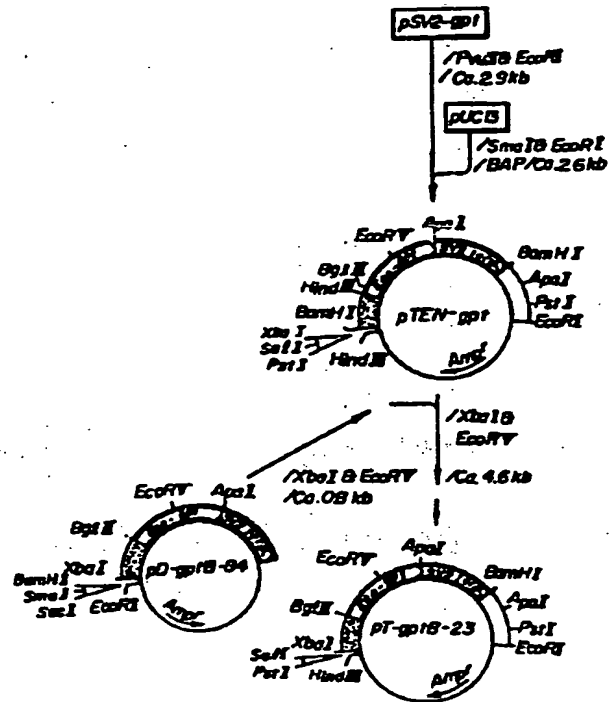
【図23】



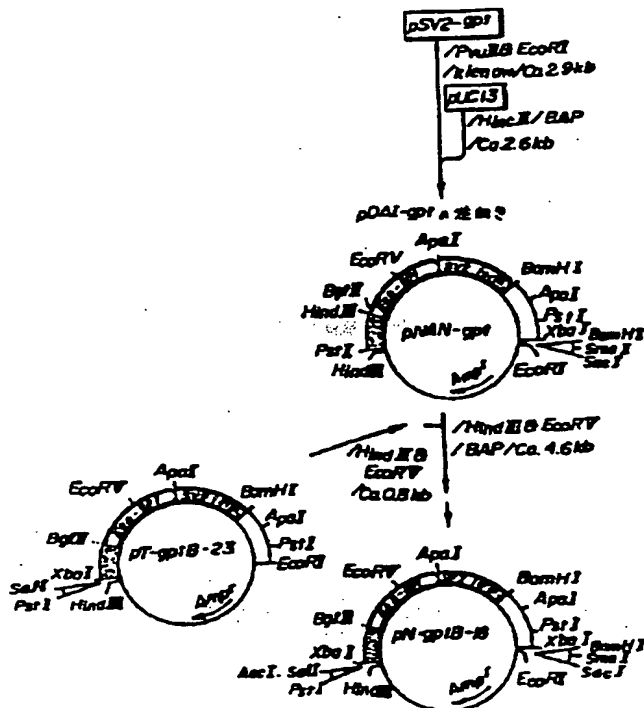
【図5】



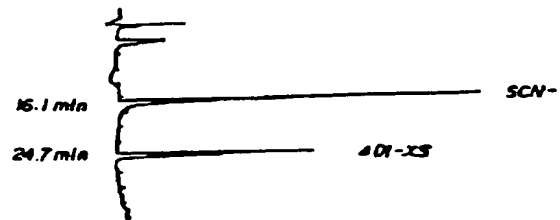
【図6】



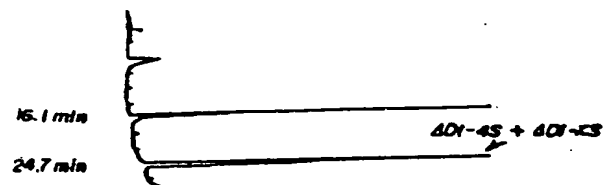
【図7】



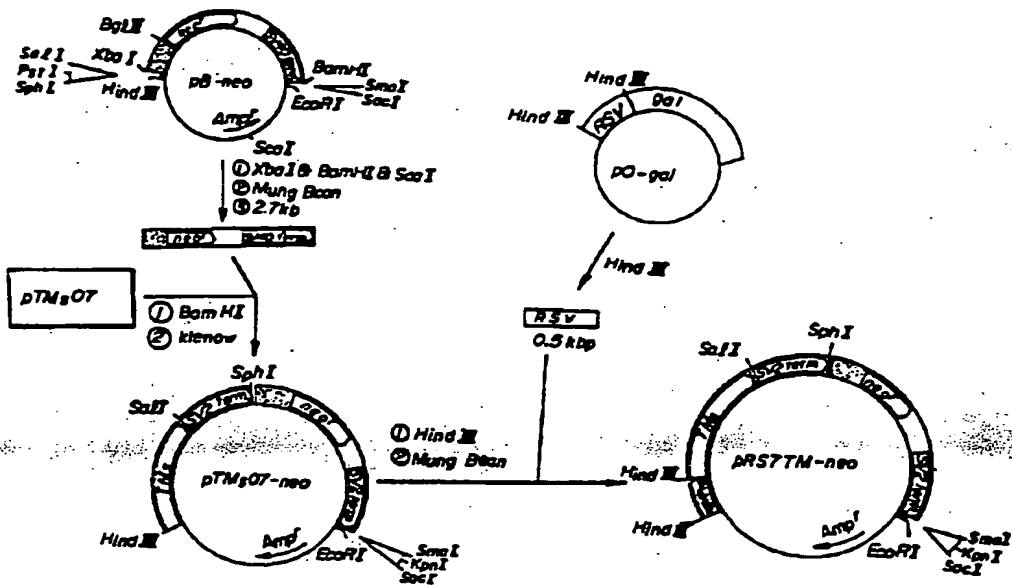
【図14】



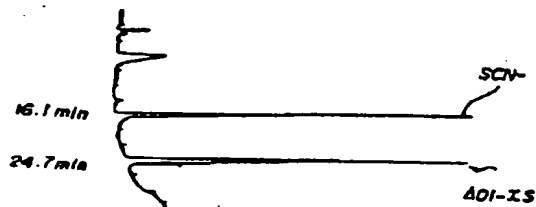
【図15】



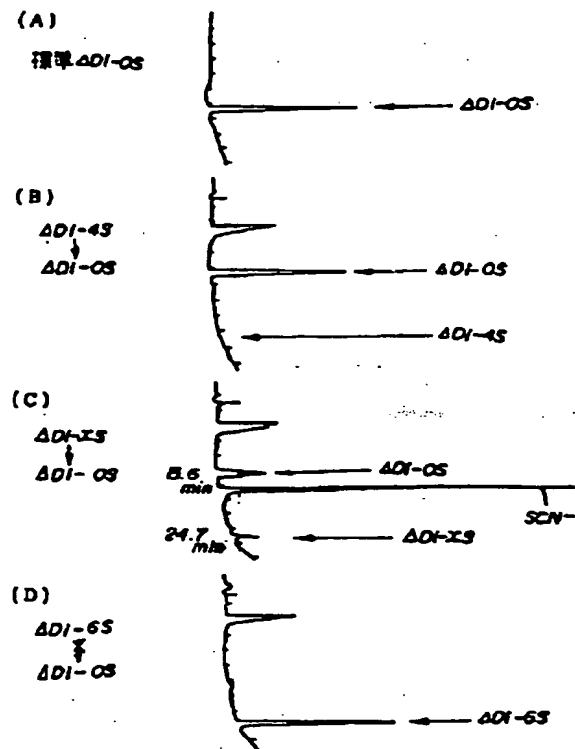
【図9】



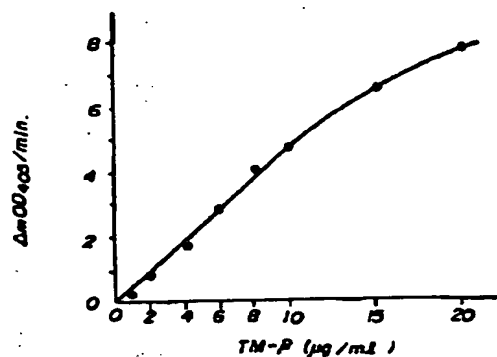
【図16】



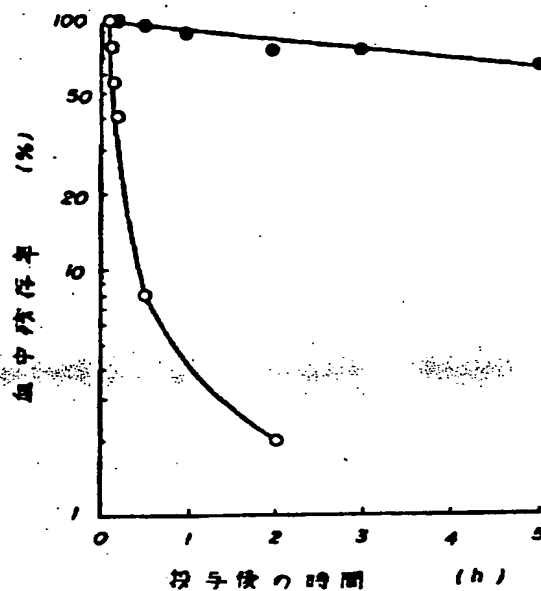
【図17】



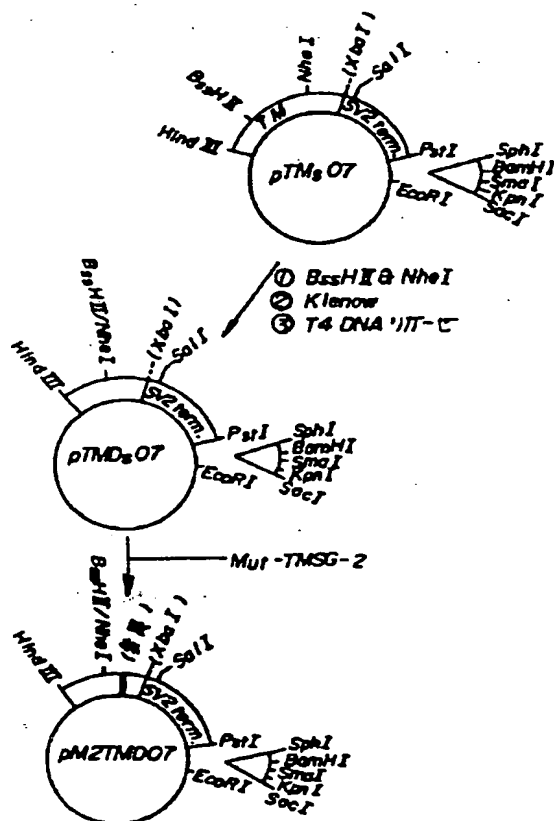
【図18】



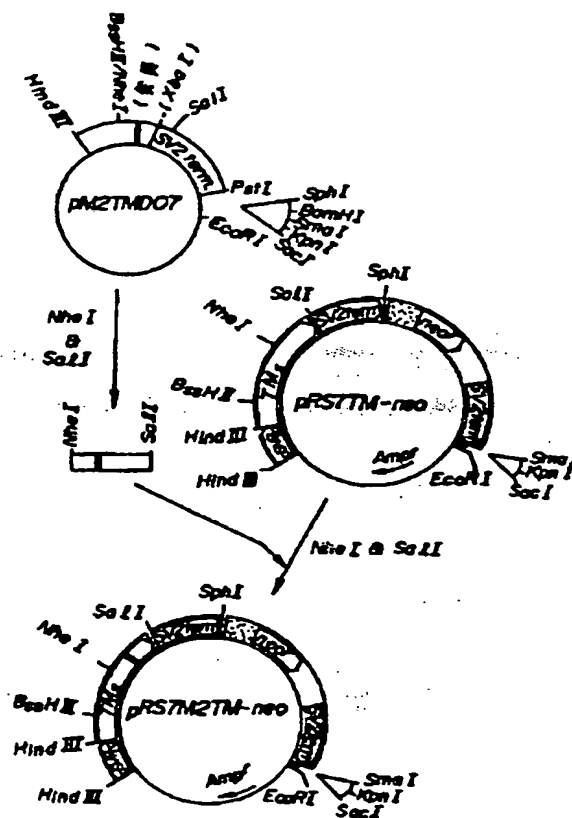
【図19】



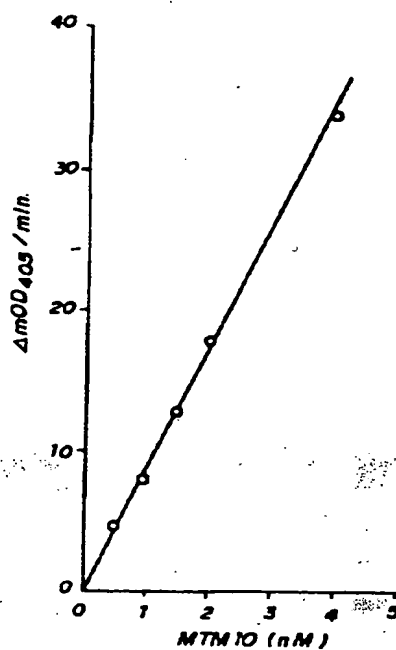
【図20】



【図21】



【図24】



フロントページの続き

(51) Int. Cl. 5

識別記号

庁内整理番号

F I

技術表示箇所

C 1 2 N 15/12

Z N A

15/85

C 1 2 P 21/02

C 8214-4B

// (C 1 2 N 5/10

C 1 2 R 1:91)

(C 1 2 N 15/85

C 1 2 R 1:91)

(C 1 2 P 21/02

C 1 2 R 1:91)

(72) 発明者 名和 克彦

東京都江戸川区北葛西一丁目16番13号 第一製薬中央研究所内

(72) 発明者 丸本 恭正

東京都江戸川区北葛西一丁目16番13号 第一製薬中央研究所内

**This Page is Inserted by IFW Indexing and Scanning
Operations and is not part of the Official Record**

BEST AVAILABLE IMAGES

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images include but are not limited to the items checked:

- ☐ **BLACK BORDERS**
- ☐ **IMAGE CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES**
- ☐ **FADED TEXT OR DRAWING**
- ☐ **BLURRED OR ILLEGIBLE TEXT OR DRAWING**
- ☐ **SKEWED/SLANTED IMAGES**
- ☐ **COLOR OR BLACK AND WHITE PHOTOGRAPHS**
- ☐ **GRAY SCALE DOCUMENTS**
- ☐ **LINES OR MARKS ON ORIGINAL DOCUMENT**
- ☐ **REFERENCE(S) OR EXHIBIT(S) SUBMITTED ARE POOR QUALITY**
- ☐ **OTHER:** _____

IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.

As rescanning these documents will not correct the image problems checked, please do not report these problems to the IFW Image Problem Mailbox.